

FIG. 1

gcttcctccc taggcgtgag actccggctc cttcact atg aga ctt cta gcc ctt 55  
Met Arg Leu Leu Ala Leu  
1 5

tcc ggt ctg ctc tgc atg ctg ctc ctc tgt ttc tgc att ttc tcc tca 103  
Ser Gly Leu Leu Cys Met Leu Leu Leu Cys Phe Cys Ile Phe Ser Ser  
10 15 20

gaa ggg aga aga cat cct gcc aag tcc ttg aaa ctc agg cgc tgc tgt 151  
Glu Gly Arg Arg His Pro Ala Lys Ser Leu Lys Leu Arg Arg Cys Cys  
25 30 35

cac cta tct cct aga tcc aag ctg aca acc tgg aaa gga aac cac aca 199  
His Leu Ser Pro Arg Ser Lys Leu Thr Thr Trp Lys Gly Asn His Thr  
40 45 50

agg ccc tgc aga ctc tgc aga aac aag cta cca gtc aag tca tgg gtg 247  
Arg Pro Cys Arg Leu Cys Arg Asn Lys Leu Pro Val Lys Ser Trp Val  
55 60 65 70

gtg cct ggg gct ctc cca cag ata tag ggctcctccc gccagatga 294  
Val Pro Gly Ala Leu Pro Gln Ile  
75

agcgttgatg cccagatgtg gagacaccag aagcatacac actatgttgc cttgccccctt 354

gccaatgagc tgtgacactg gaatgcttca cttcagacat cagggcggat ggattgcaga 414

attccaagtc ctcatccaa aggtgtcacc aaccttcaga gtcactaagg tccagggtca 474

gccacaagt caccatggct cctccagagt aaaagtccaa gattccacct gtgggagcta 534

cagatccaga gactttcaag ctgactagag tgcagagaag caagacctca gtgtgatcag 594

ccgagactac agcatcttgg gaacctcag tcagcccca acccctaaca cttaaccact 654

ggctctccaaa ccaacacctg taacttcta atgaaatcat caggaggata ccaaaagaaa 714

taaaccataa atcagcatat acactaaaaa 744

09724000 12300

## 067240031

067240031

FIG. 3

rat Secs-1	1	MRLTLGLF	FMLFLCLCVL	SSEGRKRP	AK F...	PKLRPR	CHLSPRSKPI	50
murine Secs-1		MRLALGLL	CMLLLCF	CF S...	LKLRR	CHLSPRSKLT		
human Secs-1		MRLVLSSL	CILLCF	SIF	STEGRRRPAK	AWSGRRTRLC	CHRVSPNST	
rat Secs-1	51	TWKGNHTRPC	RPCR.KLESN	SWVVP	GALPQ	I		
murine Secs-1		TWKGNHTRPC	RLCRNKLPVK	SWVVP	GALPQ	I		
human Secs-1		NLKGHHVRLC	KPCKLEPEPR	LWVVP	GALPQ	V		

092400 113600

0  
446 ATGAGGCTTCTAGTCCTTTCCAGCCTGCTCTGTATCCTGCTTCTCTGCTTCTCCATCTTC  
:  
1 M R L L V L S S L L C I L L L C F S I F  
  
60 . : . : . : . : . :  
506 TCCACAGAAGGTAGGGCAGCCCCAGGGTGCGATCCCTGAGCAGGATTTCAGCATCTGG  
:  
21 S T E  
  
120 . : . : . : . : . :  
566 GAAGACTCTGATCAGGATTTGTTGGAGGGCAGGCCTTGGNNNNNNNNNCGCGCGTACTT  
-----  
  
180 . : . : . : . : . :  
626 CCAGCCCCGTGGTGAAGACGAAAGAGGGCTCTTCTCCTGAACCTATAGGTTTGGGGCTC  
-----  
  
240 . : . : . : . : . :  
686 AGGACTGCCTGCAGGTGGCTTGGGGGTTCATTACAGCCCCTGCACCCCCAAATACATA  
-----  
  
300 . : . : . : . : . :  
746 CCCAGCCTAAGTAAAGTGGTGTGTTGCCATGCAAACACACATACAACCTCTCAGCTAGA  
-----  
  
360 . : . : . : . : . :  
806 TTACTGTGCTTAAGTCCTACCTATCTAGAATTTCTGGAGCCATTCTCTTGTACTTGTGTC  
-----  
  
420 . : . : . : . : . :  
866 ATGCTTGGAACAGAGTAAATTAGTGTGGGCAAAATGAATACATTAATTAGTAGACCATCT  
-----  
  
480 . : . : . : . : . :  
926 AAGTCTGAACATCCCCAAACCTCATGCCAGAAAATATCCATGAGCAGCTGAAATGAAGG  
-----  
  
540 . : . : . : . : . :  
986 TGTGTGTGGTAGGGAGGTGGGGTATGTTTATGCATGTTTAGAAGGGGACACCATCTTTTT  
-----  
  
600 . : . : . : . : . :  
1046 ACCTCTATAGATATGAATATTTAGCTCTCTTGCCCTTTTTTCTTTTTTCTTTTTTTTTTT  
-----  
  
660 . : . : . : . : . :  
1106 TTTTTTGAGATGGAGTCTTGCTCTGTCACCCAGGCTGGAGTGCGAGTGGCGCTATCTCAGC  
-----  
  
720 . : . : . : . : . :  
1166 TCACTGCAATCTCCGCTCCTGGGTTCAGCAATTCTCTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCT

FIG. 4B

```

780      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1226 GAGATTACAGGTGCCCACCACCAAGCCCAGCTAATTTTGTATTTTGTAGTACAGACAGGT
-----

840      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1286 TTCACCATCTTGGCCAGGCTGGTCTTGAACCTCCTAACCTCGTAATCCTCCCACCTCGGCC
-----

900      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1346 TCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCTGGCTGCCTTTCTTGATTGAG
-----

960      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1406 ATAGCTGAGTGTTCAATCCATTTTCTCTTGTCTAACCTCTAGAACTGCCTACATTT
-----

1020     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1466 ATTTTGTGTTTGTAGTGGTTATGGTTACTCAAACCTTTTGGGTGGGGGGAGCTGGAGCTATA
-----

1080     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1526 GAAATATATAAAGAGAAGAAAAACACTCAATTCCATGATTCAAGAGTAGCCATGTTCAAC
-----

1140     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1586 ATTTTGTGTTATTTCTTGCATGTAGAATTTTAAAAATTAATTGATGTACCTATATGTTC
-----

1200     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1646 AAGGTTATATCTTTTTTATTTATCACTATATATATTGTTATAATCACCCAAAATGCTTAT
-----

1260     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1706 GATTGAAGATATTCTGGAAGCATTTACAACCCAGTGTCAGCAGCAGCCATCTCTGAGTAG
-----

1320     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1766 TGGGATTATAACAAGTGTTTGTGTTTACAAAGTTTCTGCGATGAAAATGTCCACATATAT
-----

1380     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1826 AATAAGGAAAACAGTGATTAGAATTCCTCATAAACACAGCCCGTGACATGCAATTTATCA
-----

1440     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1886 GACCTCTATTTTGGACATGTTGGAGGTTGCCAGTGATACCCTAGTGACAATTAAATGAG
-----

1500     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1946 GATAGATACCTTCCCCCATAAAGTTTCCTATCCATTTAGGACTATCTGTAGCAAACCTCTT
-----

```

003227" 00042450

FIG. 4C

```

1560 . . . . . : . . . . . :
2006 GAAGTAGCATTAAATCAACTAATATTTTCAGGTATAACTTGCTACAAGTGAACGTACTATG
-----

1620 . . . . . : . . . . . :
2066 ATGAATTTACATGCTTAGACATTTAGATAGTTCACAATTGTGTGCTTTTCCTTTTTTGAA
-----

1680 . . . . . : . . . . . :
2126 GCAAGATCTTGCTCTCTTGCCCAGGTCGGAGTGCAGTGGCATGACCACGGCTCAGTGCAG
-----

1740 . . . . . : . . . . . :
2186 GCTTGACTTCCAGGGCTCAAGCAATACTCGCACCTCAGGTTTTCCAGTAGCTGGGAAAAC
-----

1800 . . . . . : . . . . . :
2246 AGGTGCGCACCACAATGCCCTGCTAATTTTTTAAATTTTTTGCAGAGACGAGGTCTCTCT
-----

1860 . . . . . : . . . . . :
2306 AAGTTGCCCAGGCTGGTCTTGAACCTCTGGACTCAAGCCATCCTCCCACCTTGGCCTCCC
-----

1920 . . . . . : . . . . . :
2366 AGAGTGCTAGGATCACAGGCATGAGCCACCACACCTGGCCTACTTTGCACATTTTAATTA
-----

1980 . . . . . : . . . . . :
2426 TGTGGTAAAAGGTATATATGTACATAAAGTATGTCCTTTATTTCAGGCTTTTTTCTTTTT
-----

2040 . . . . . : . . . . . :
2486 TTCTTTTTTTTTATTTTTTTTGAGACGAAGTTTTTGCTCTTGTTGTCCAGGCTGGAGTGTA
-----

2100 . . . . . : . . . . . :
2546 TGGCATGCTCTTGGCTCACCACAACCTCCGCCTCCCGGGTTCAAGTGATTCTCCTGCCTC
-----

2160 . . . . . : . . . . . :
2606 AACCTCCTGAGTAGCTGGGATTACAGGCATGCACCAACATGCCAGGCTGATTTTGTATTT
-----

2220 . . . . . : . . . . . :
2666 TTAGTAGAGATGGGGTTTCTCCATGTTGGTCAGGCTGGTCTCGAACACTCGACCTCAAGT
-----

2280 . . . . . : . . . . . :
2726 GATCCGCCCACCTCAGCCTCCCAAAGAGCTAGGATTACAGGCATGAGCCACCACACCCAG
-----

```

003211" 0004260

FIG. 4D

```

2340 . . . . . :
2786 CTCAGGGCTTATTTTCTTAGGCTAGATTGCCAAGGGGAGAATTATTATGTCAAAGAACT
-----

2400 . . . . . :
2846 ACTTATTGGACAGGAATCTGAAAAGGATGTGTTTTGGGGCCATGTGTCTCCCAACATTGT
-----

2460 . . . . . :
2906 TATTTCTGAAAAGTAAATCACAACAAGGCCCACTCTTTCCCTAGGACCTCTCGTAGCCTG
-----

2520 . . . . . :
2966 GCTCATCCTGAGTTTCTCTGGATAAATATTCCTGAGCCCTGTGCCTTGGAAGGGGAAGCT
-----

2580 . . . . . :
3026 CACTCACAGACAAGCCCACTAAAGACAGTCTCTCTTCTTGTGTCCACCTCAGGGAAG
-----
                                     . . . .
25                                     G K

2640 . . . . . :
3086 AGGCGTCCTGCCAAGGCCTGGTCAGGCAGGAGAACCAGGCTCTGCTGCCACCGAGTCCCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
26  R R P A K A W S G R R T R L C C H R V P

2700 . . . . . :
3146 AGCCCCAACTCAACAAACCTGAAAGGTAAGTACCCCCACCTCGTCCAGACTGTGGGGCAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
46  S P N S T N L K

2760 . . . . . :
3206 AAGTTCTACAGTGGCCATGGGACCAGCCACACACACTGATCAGCCCCACCCATGGCTGG
-----

2820 . . . . . :
3266 CATCAGGCTCTGGCTGGGAGGACATCTTTGTTTTGTTGATTAAATTTGTTGACTCCCCCCC
-----

2880 . . . . . :
3326 AAAAGTCAACAAATTAATCATTTTAAACTGAATACATTCTGCCATGGAAAAAAGCAGGA
-----

2940 . . . . . :
3386 TGCAATTAGCAGATGTTGTGTGGAAACACACTTACTTTAGGTGGAAGGTGTCTGAGCAGG
-----

3000 . . . . . :
3446 TGACATTTATGAGACCTGGCTCATTTATGAGCCAGGAGCCTGGCTGAGGCCTGTGGAGGT
-----

```

00222T" 0002260

## 0524000 1123000

3060 . : . : . :  
3506 GGGGCATGCAGGCAGAGGAGGCAGCAAGGGTGAAGGGCAAGAGTGGGGTATGGAAGACAG  
-----  
3120 . : . : . : . : . :  
3566 ATGGTAGCAGGGCTTGAGAGGTACTCCCAGAAGCTAAGGACCAAAGCTGCCTGTGAACCC  
-----  
3180 . : . : . : . : . :  
3626 TGTGGACCTGGGGCACAGATCAGCATGCAGGTCACCAGCAGGGGAGTGGGCCTGAGGGTC  
-----  
3240 . : . : . : . : . : . :  
3686 CAGAGAGCCATAGCTTGGCAGGAGATAAGGCAGCCCCAGAGATGCCAGCAGGCAGCATCC  
-----  
3300 . : . : . : . : . : . :  
3746 AGGCTGCATGACCAGAACGAGGCCCAGAAGAGCAAGGCTGCCCTCTCCCTGAGGCCTGGG  
-----  
3360 . : . : . : . : . : . :  
3806 GACACTGGGAGGCCTGTGGCGGACAGGCCCAAGCTCAGGAGGGCTGCGGGCACCCAGTTC  
-----  
3420 . : . : . : . : . : . :  
3866 CCTGCACAGGGGCTGCAGGCCCAGAGCAGATATTCAGTGGAGTTGCCAGCCCAGGTGGA  
-----  
3480 . : . : . : . : . : . :  
3926 AGGGTCAGGCTGCTGGAGCTTGGGTAGGGCAGGCAGATCCCCAAGGGGAGACTGTGGACC  
-----  
3540 . : . : . : . : . : . :  
3986 CTGAGTCAGACAGCCTGACACCAACCTGGGGCTCCTGCCTGAACTCTGCAGCCCCAGTGC  
-----  
3600 . : . : . : . : . : . :  
4046 CCACTCTCAAGAGGCTGAGGAGGTCCCGGCCCCACTTGCTCCTCTGCGGCCATGGCCCCAT  
-----  
3660 . : . : . : . : . : . :  
4106 GGGGTCCATGACCAGCGCCGGAGCCTCCATGCCTTTCCAGCTACCAAGGGGATGCTCAG  
-----  
3720 . : . : . : . : . : . :  
4166 CTGTGATGCAGGAGAGGGATAGAGGGAGGAAGCAAGACAGCATGACTCCAGCCGCAGACC  
-----  
3780 . : . : . : . : . : . :  
4226 TTCTCCCGGAGATGCTGACAGCCCTTTCTTCCAAACTGGGCATCACACCCAGCCGGCCAGG



FIG. 4F

```
3840 . . . . . : . . . . . :
4286 ATAAAAATAACCAGCTCGTCTTCACCACGGGCTGAAGGATCCNNNNNNNNNNNCACGAAA
-----

3900 . . . . . : . . . . . :
4346 AGCCCCCTTCTGGGCCTCCAGGGAAAAGCATAAGATCTAATTCTTGCTTTGAAATTTTTTTT
-----

3960 . . . . . : . . . . . :
4406 TTAAATGTGTTTGAAAATGCAACTTAATTGTGTTTTCTCTCTCTCCCCACAACCTGGCT
-----

4020 . . . . . : . . . . . :
4466 CTGACCTCGCCATCTTCCTGTCCCTTGTCCTCTACTCATTGCTCCTCCCAGGACA
-----
55 G H

4080 . . . . . : . . . . . :
4526 TCATGTGAGGCTCTGTAAACCATGCAAGCTTGAGCCAGAGCCCCGCTTTGGGTGGTGCC
::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
56 H V R L C K P C K L E P E P R L W V V P

4140 . . . . . : . . . . . :
4586 TGGGGCACTCCCACAGGTG
::::::::::::::::::::::::::::
76 G A L P Q V
```

002217 0004260

FIG. 5

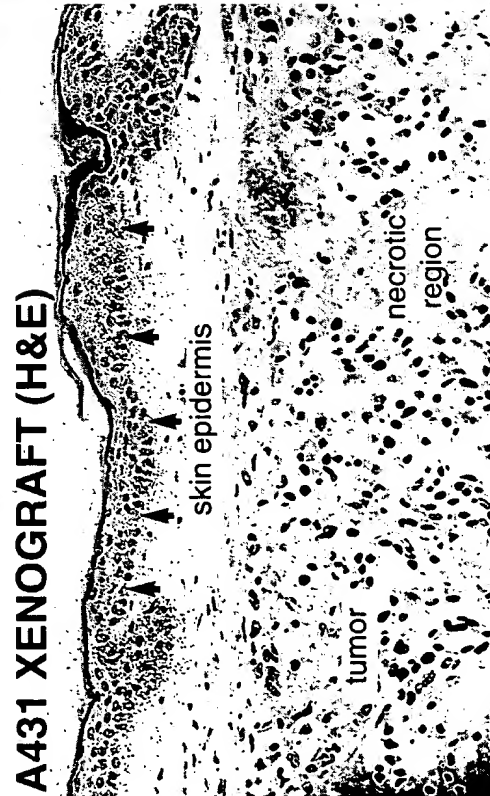
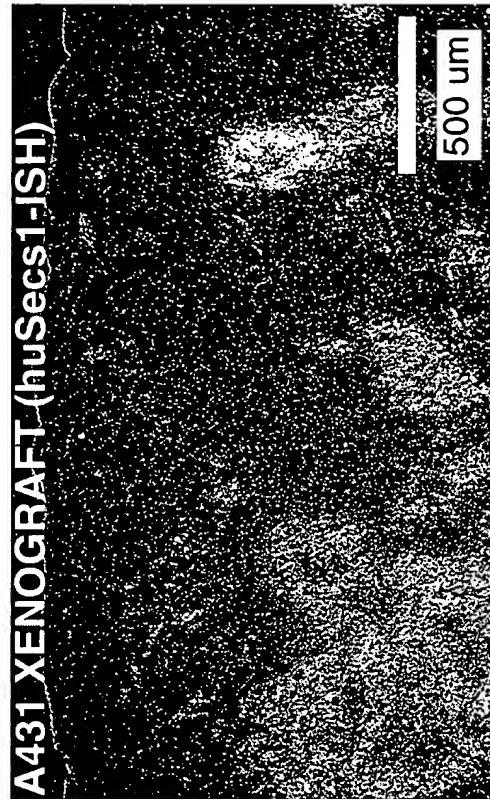
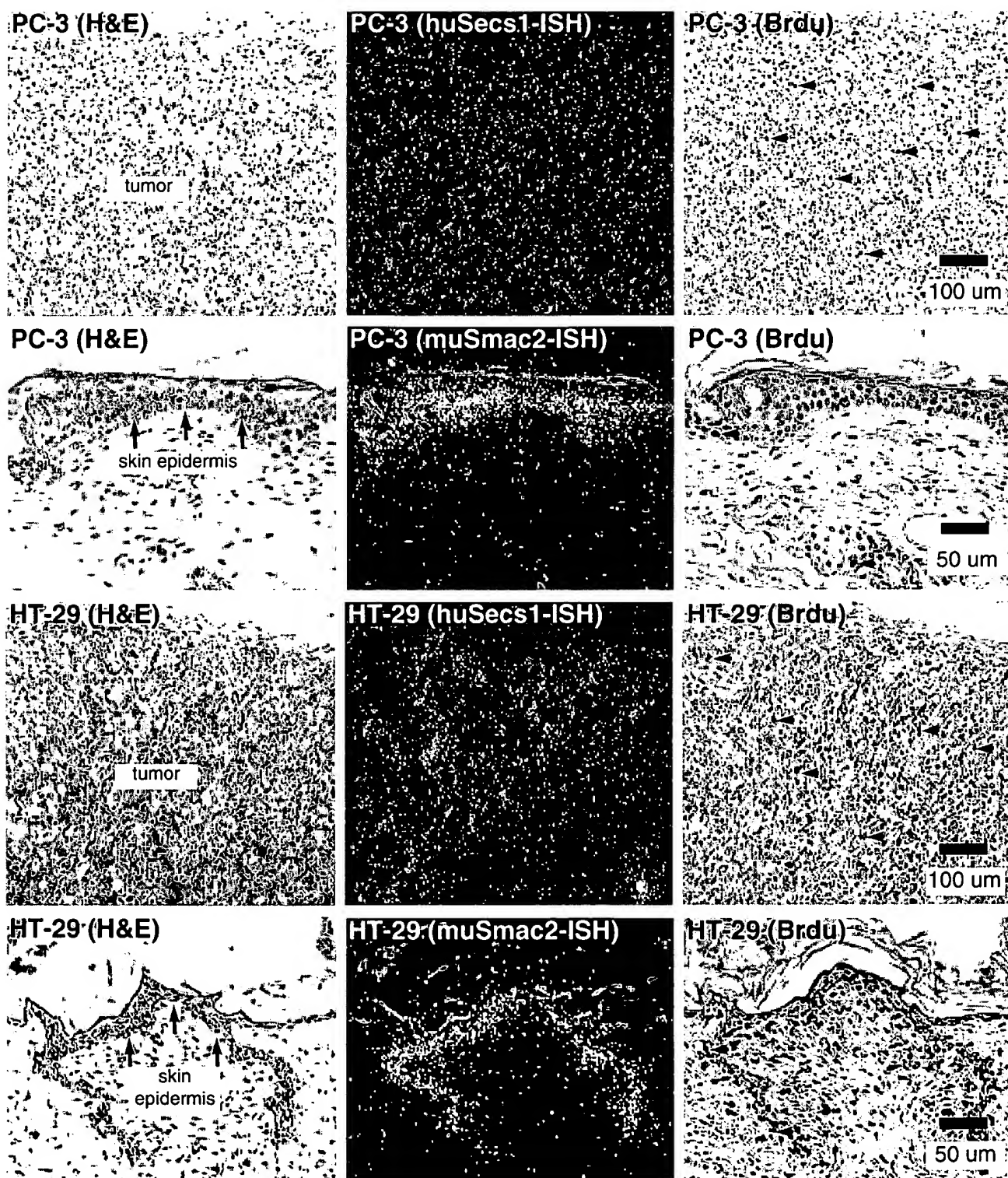


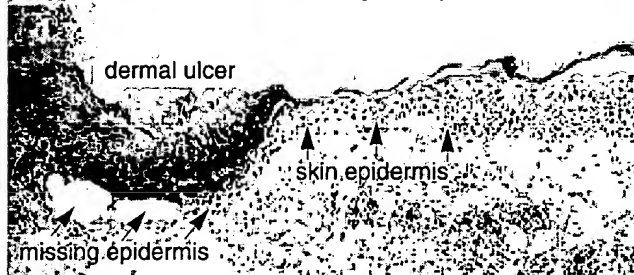
FIG. 6



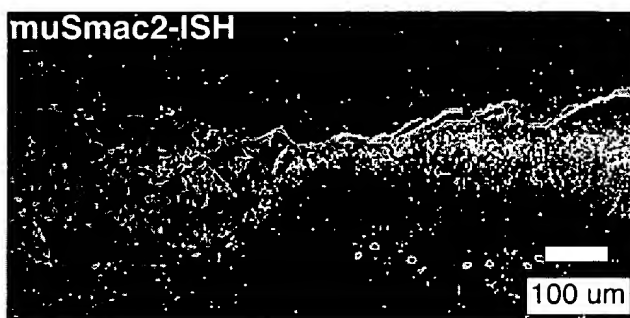
09724000-13200

FIG. 7

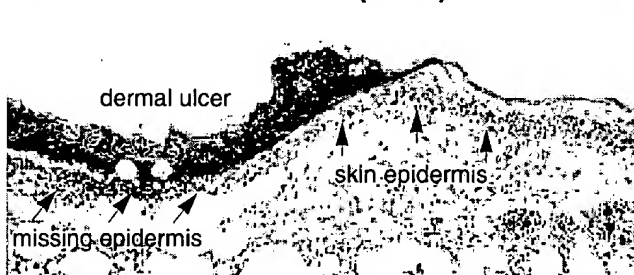
DAY 3 POST WOUND (H&E)



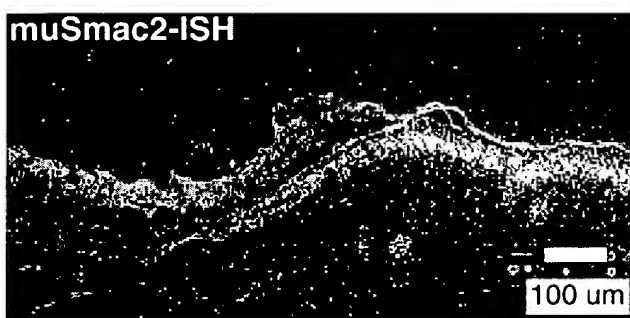
muSmac2-ISH



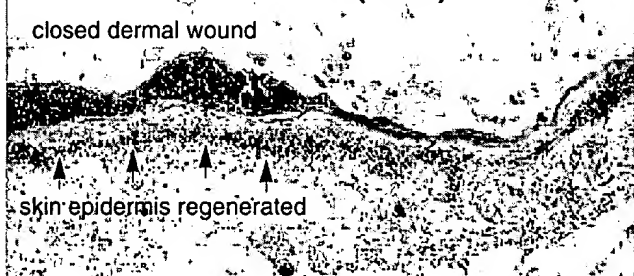
DAY 4 POST WOUND (H&E)



muSmac2-ISH



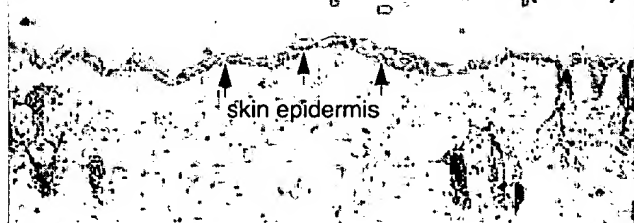
DAY 8 POST WOUND (H&E)



muSmac2-ISH



PSORIASIS MODEL - CONTROL (H&E)



muSmac2-ISH



PSORIASIS MODEL (H&E)



muSmac2-ISH



09724000-112800